

文章编号: 1000-0615(2017)09-1338-07

DOI: 10.11964/jfc.20160910560

核糖体DNA在厦门白姑鱼和大黄鱼染色体上的比较定位

廖梦香, 郑 娇, 王志勇, 张 静, 刘贤德, 蔡明夷*

(集美大学水产学院, 农业部东海海水健康养殖重点实验室, 福建 厦门 361021)

摘要: 为了探究石首鱼核型微观结构上的变化, 实验利用荧光原位杂交(*fluorescence in situ hybridization*, FISH)比较定位了厦门白姑鱼和大黄鱼18S *rDNA*和5S *rDNA*的分布特征。结果表明, 厦门白姑鱼与大黄鱼在宏观核型以及18S *rDNA*和5S *rDNA*染色体分布等3个方面均存在较大差异。厦门白姑鱼的核型公式为 $2n=48t$, 臂数 $FN=48$; 单对18S *rDNA*信号分布于1号染色体臂间; 单对5S *rDNA*信号分布于3号染色体近着丝粒区域。大黄鱼的核型公式为 $2n=2sm+4st+42t$, 臂数 $FN=50$; 单对18S *rDNA*信号分布于18号染色体短臂端部; 5S *rDNA*信号9~11对, 除一对分布于臂间外, 其余全部分布于着丝粒端或短臂端部。综合其他石首鱼核型数据可以推断: 厦门白姑鱼呈现原始核型特征, 而大黄鱼核型是原始核型经染色体重排和/或转座衍生的特化核型; 石首鱼宏观核型和18S *rDNA*分布模式总体保守, 仅少数物种存在变化, 而5S *rDNA*位点的分布模式存在高度的种间变化。本研究首次揭示了石首鱼物种间核型微观结构的变化, 为进一步开展石首鱼分子细胞遗传学研究奠定了基础。

关键词: 厦门白姑鱼; 大黄鱼; 染色体; 荧光原位杂交; *rDNA*

中图分类号: Q 785; S 965

文献标志码: A

染色体是遗传信息的载体。染色体变异是推动物种发生和生物进化的重要原因之一^[1]。因此, 比较近缘物种间的核型差异, 可以研究物种间核型进化规律, 并为物种鉴定和系统发生树构建提供依据, 也可为遗传育种及相关理论研究提供基础数据。石首鱼科(*Sciaenidae*)隶属鲈形目(*Perciformes*), 在全世界范围内约有67个属283个种, 在中国海域分布有17个属30多个种, 其中许多种类是重要的捕捞对象或养殖对象^[2-3]。迄今, 报道过核型的石首鱼约38种, 主要集中于核型简单描述与NOR定位^[4]。相对于快速发展的分子生物学、基因组学和育种实践, 石首鱼染色体研究已明显滞后。

荧光原位杂交(*fluorescence in situ hybridization*, FISH)是20世纪80年代发展起来细胞遗传学分析工具, 近年来逐步应用于鱼类细胞遗传学研

究, 为研究鱼类染色体形态、结构与功能提供新的机遇和可能。郑娇等^[5]首次应用双色FISH同时定位黄姑鱼18S和5S *rDNA*位置, 但应用FISH进行石首鱼物种间核型比较的研究尚未见报道。因而, 本实验拟利用双色FISH技术, 在厦门白姑鱼(*Argyrosomus amoyensis*)和大黄鱼(*Larimichthys crocea*)染色体上比较定位18S *rDNA*和5S *rDNA*, 探究石首鱼染色体微观结构上的变化, 查找适合石首鱼染色体进化的细胞遗传学标记, 为开展石首鱼染色体进化及染色体水平的系统发生奠定基础。

1 材料与amp;方法

1.1 样品的采集和染色体的制备

厦门白姑鱼和大黄鱼活体材料采自宁德市

收稿日期: 2016-09-27 修回日期: 2016-11-25

资助项目: 国家自然科学基金(31272653); 福建省自然基金(2017J01449); 全球变化与海气相互作用专项(GASI-02-SCS-YSWaut, GASI-02-SCS-YSWspr)

通信作者: 蔡明夷, E-mail: myicai@jmu.edu.cn

横屿岛水产有限公司养殖群体,雌雄各5尾。取头肾制备有丝分裂的染色体制片,方法参考陈紫莹等^[6]的描述。

1.2 荧光原位杂交

厦门白姑鱼和大黄鱼的18S *rDNA*的部分编码序列及5S *rDNA*的全部编码区和间隔区序列通过PCR及分子克隆获得。18S *rDNA*的引物F (5'-CGCGCAAATTACCCACTCCC-3')和R (5'-CTGAACGCCACTTGTCCCT-3')是根据多种鱼类的18S *rDNA*序列的保守区域设计。5S *rDNA*引物F (5'-GTCAGGCCTGGTTAGTACTTGGAT-3')和R (5'-GGGCGCATTCAGGGTGGTAT-3')根据石首鱼科的5S *rDNA*编码区保守序列设计。PCR和分子克隆的方法同郑娇等^[5]的描述。扩增获得的18S和5S *rDNA*用缺口平移法制备地高辛或生物素标记探针。

FISH的程序依据文献^[7-8]的描述,具体为:染色体制片在70 °C 70%的甲酰胺/2×SSC变性2 min后,系列乙醇中脱水;探针加入杂交缓冲液(5%牛血清白蛋白、50%的硫酸葡聚盐、20×SSC)中,加热变性后滴加在染色体制片上,置于37 °C湿盒中杂交过夜;杂交结束后,制片在37 °C 50%甲酰胺/2×SSC中洗20 min, 2×SSC和1×SSC中各洗20 min, 4×SSC中洗5 min;再用抗地高辛-罗丹明(Roche)和抗生物素-Alexa fluor-488(Invitrogen)分别来显示探针上的地高辛标记和生物素标记;用含DAPI或PI抗荧光衰减封片剂封片。

1.3 显微镜观察和图像处理

用荧光显微镜(Olympus BX53)观察制片,用CCD拍照(Olympus DP80),分散良好的中期相染色体图片用Photoshop CS6软件排列。

2 结果

利用单色FISH和双色FISH显示厦门白姑鱼和大黄鱼中期染色体上18S和5S *rDNA*所在位置(图版-1~6)。染色体按降序排列出核型图(图版-7, 8)结果显示,厦门白姑鱼和大黄鱼的核型均包括48条染色体。其中,厦门白姑鱼的染色体全部为端着丝粒染色体,核型公式为 $2n=48t$, FN=48。大黄鱼存在明显的双臂染色体,如18号染色体,核型公式为 $2n=2sm+4st+42t$, 臂数

FN=50(图版-8)。

18S *rDNA* FISH结果显示,厦门白姑鱼和大黄鱼染色体上均只有一对18S *rDNA*信号,但分布于不同位置。厦门白姑鱼的18S *rDNA*信号分布于规格最大的1号染色体臂间(图版-1, 7),而大黄鱼的18S *rDNA*信号分布于中等规格的18号染色体(sm)染色体短臂端部(图版-4, 8)。此外,在两个物种中均可观察到,18S *rDNA*信号的强度在同源染色体间存在变异。

5S *rDNA* FISH显示,厦门白姑鱼和大黄鱼5S *rDNA*信号的分布模式存在较大差异,体现在位点数目及分布位置上。厦门白姑鱼只有一对5S *rDNA*信号,位于3号染色体近着丝粒区域,信号强度在同源染色体间存在差异(图版-2, 7)。大黄鱼的5S *rDNA*信号有9~11对,其中3对强阳性信号分布于1~3号染色体着丝粒端,一对次强度信号分布于11号染色体着丝粒端,其余5~7对信号强度较弱,且在同源染色体间及不同中期相间存在变异(图版-5, 8)。双色FISH显示,厦门白姑鱼和大黄鱼的两种*rDNA*均不具有同线性(图版-3, 6)。

3 讨论

石首鱼科核型具有较高的稳定性。已报道过核型的石首鱼约38种,其中31种的核型公式为 $2n=48t$ ^[4]。根据原始性状的普遍性原则可以推断, $2n=48t$ 是石首鱼科的原始核型。厦门白姑鱼的核型公式为 $2n=48t$, FN=48,与石首鱼科的原始核型一致。大黄鱼核型为 $2n=2sm+4st+42t$,含有明显的双臂染色体,是由原始核型经染色体重组后形成的特化核型。双臂染色体还见于沙犬牙石首鱼(*Cynoscion arenarius*)^[9]、云纹犬牙石首鱼(*C. nebulosus*)^[9]、蒙氏异鳞石首鱼(*Plagioscion montei*)^[4]和短须石首鱼(*Umbrina coroides*)^[10]等其他4种石首鱼的核型中。形态和分子系统发生研究结果显示,黄鱼属、犬牙石首鱼、异鳞石首鱼属在系统发生上属于不同的分支,但均为最近分化的属^[11]。可见,染色体重组在石首鱼不同的进化分支上独立发生,并可能与石首鱼最近的物种发生事件相关。

*rDNA*是最常用的分子细胞遗传学标记之一。在真核生物中,*rDNA*包括两种独立的基因簇,重复单元分别为45S *rDNA*和5S *rDNA*。其中,45S *rDNA*编码28S *rRNA*、18S *rRNA*和5.8S

*rRNA*基因, 45S *rDNA*的位置可以用其中部分序列(如18S *rDNA*)作探针进行FISH定位, 也可通过硝酸银染色或CMA3染色显示^[12]。目前开展过18S *rDNA* (或NOR)定位的石首鱼共12种(包括厦门白姑鱼和大黄鱼), 全部为单一位点(表1)。保守的单一45S *rDNA*位点也是鲈形目核型的特

点^[20]。分布位置上, 染色体臂间近着丝粒区域是石首鱼18S *rDNA* (或NOR)分布的主流模式, 但大黄鱼中表现为特化的端部分布模式, 同样端部分布的还有斑点蛇石首鱼(*Ophioscion punctatissimus*) (表1)。这一结果再次证明, 某些石首鱼进化过程中曾发生过染色体重组。

表1 石首鱼科*rDNA*的染色体分布

Tab. 1 Chromosomal organization of *rDNA* in Sciaenidae

物种 species	核型 karyotype	NOR(或45S <i>rDNA</i>) NOR(or 45S <i>rDNA</i>)		5S <i>rDNA</i> 5S <i>rDNA</i>		共线性 syteny	参考文献 reference
		对数 pair	位置 location	对数 pair	位置 location		
厦门白姑鱼 <i>A. amoyensis</i>	48t	1	1st, PRX	1	3th, TER	N	本研究 this study
大黄鱼 <i>L. crocea</i>	2sm+4st+42t	1	18th, TER	9~10	-	N	本研究 this study
美洲无鳔石首鱼 <i>Menticirrhus americanus</i>	48t	1	1st, PRX	-	-	-	[13]
海湾无鳔石首鱼 <i>M. littoralis</i>	48t	1	-	-	-	-	[14]
弗氏绒须石首鱼 <i>Micropogonias furnieri</i>	48t	1	-	-	-	-	[15]
箕作黄姑鱼 <i>Nibea mitsukurii</i>	48t	1	1st, PRX	-	-	-	[16]
黄姑鱼 <i>N. albiflora</i>	48t	1	1st, PRX	2	1 st , TER; 4 th , STL	Y	[5]
斑点蛇石首鱼 <i>Ophioscion punctatissimus</i>	48t	1	10th, TER	-	-	-	[17]
锐高鳍鲷 <i>Pareques acuminatus</i>	48t	1	2nd, PRX	-	-	-	[17]
蒙氏异鳞石首鱼 <i>P. montei</i>	2m+46t	1	-	-	-	-	[4]
巴西异鳞石首鱼 <i>P. squamosissimus</i>	48t	1	24th, PRX	-	-	-	[18]
眼斑拟石首鱼 <i>Sciaenops ocellatus</i>	48t	1	1st, PRX	1	PRX	Y	[19]

注: 相对位置参考Gornug^[20], TER=近端着丝粒染色体的着丝粒末端或p臂的末端, PRX=近端的。“-”代表没有相关数据。Y: 是, N: 否
Notes: TER=centromeric termini of acrocentric chromosomes or terminal on the p-arms, PRX = proximal, referring to the Gornug^[20]. “-” indicates that the data are not yet available. Y: Yes, N: No

相对于18S *rDNA*定位, 鱼类5S *rDNA*定位的研究较少。现有数据初步显示, 鱼类5S *rDNA*分布总体上较为保守, 89.7%位于臂间^[21]。然而, 石首鱼5S *rDNA*分布位置呈现出很大的种间差异: 大黄鱼有9~11对信号; 黄姑鱼有2对信号; 厦门白姑鱼和眼斑拟石首鱼均有1对信号, 但与18S *rDNA*的同线性存在差异(表1)。导致*rDNA*分布种间差异的机制可能是转座子的作用或同源染色不平衡交换等^[22-24]。综合石首鱼宏观核型和18S *rDNA*分布总体保守的特点, 初步推测, 转座子的作用可能是导致石首鱼5S *rDNA*分布模式种间高度变化的主要因素。

值得注意的是, 无论是在大黄鱼还是在厦

门白姑鱼中均观察到2种*rDNA*信号的强度在同源染色体间存在变异。*rDNA*位点串联重复的属性使其易成为重组热点^[25], 而且*rDNA*常与富含重复序列的异染色质相关联, 也会促进*rDNA*位点及其邻近区域易发生不平衡交换, 导致*rDNA*重复单元拷贝数变化、染色体异态^[26]。因此, *rDNA*位点相关的染色体异态在鱼类中较为常见^[27-28]。与*rDNA*相关联的染色体异态可能导致大黄鱼核型变异的重要原因(表2)。大黄鱼核型可能存在较高水平的群体间或群体内的变异。事实上, 王德祥等^[32]在舟山塘头育苗场岱衢族和连江养殖群体间曾观察到核型变异。大黄鱼核型的多态是否与其端部分布的*rDNA*位点多的特性关联, 值得后续进一步研究。

表 2 大黄鱼染色体核型研究结果汇总

Tab. 2 Summary of karyotype of *L. crocea*

材料来源 source of materials	核型公式 karyotype	参考文献 reference
宁德养殖群体基地 breeding base of Ningde	$2n=2sm+4st+42t$	[6]
厦门火烧屿养殖基地 breeding base of Huoshaoyu Xiamen	$2n=48t$ $2n=2st+46t$	[29] [30]
官井洋海区 the sea of Guanjingyang	$2n=48t$	[31]
舟山塘头育苗场(岱衢族) the hatchery of Daiqu stock of Tangtou Zhoushan	$2n=6m+6sm+36st$	[32]
连江养殖基地 breeding base of Lianjiang	$2n=6st+42t$	[32]
舟山养殖基地 breeding base of Zhoushan	$2n=6st+42t$	[19]

综上所述, 厦门白姑鱼与大黄鱼在宏观核型、18S *rDNA*分布和5S *rDNA*分布等3个方面均存在较大差异, 厦门白姑鱼表现出原始核型特征, 而大黄鱼表现出特化核型特征, 与两物种在系统发生中相对位置相符。综合其他石首鱼的研究资料显示, 石首鱼宏观核型和18S *rDNA*分布总体保守, 仅少数物种存在变化, 而5S *rDNA*位点的分布模式存在高度的种间变化。转座子可能是导致石首鱼核型微观结构剧烈变动的重要原因。开发更多分子细胞遗传标记, 特别是与转座子相关的细胞遗传学标记, 同时进一步拓展研究对象范围, 可以更全面地展示石首鱼核型的微观变化, 揭示导致这些变化的机制及其在石首鱼进化中的作用。

参考文献:

- [1] Kitano J, Ross J A, Mori S, *et al.* A role for a neo-sex chromosome in stickleback speciation[J]. *Nature*, 2009, 461: 1079-1083.
- [2] Nelson J S, Grande T C, Wilson MVH. *Fishes of the world* [M]. 5rd ed. New York: John Wiley and Sons Inc., 2016.
- [3] 朱元鼎, 张春霖, 成庆泰. 东海鱼类志[M]. 北京: 科学出版社, 1963, 268-293.
- Zhu Y D, Zhang C L, Cheng Q T. *The fishes of the East China Sea*[M]. Beijing: Science Press, 1963, 268-293(in Chinese).
- [4] Arai R. *Fish karyotypes: A Check List*[M]. Tokyo: Springer Science & Business Media, 2011.
- [5] 郑娇, 曹款, 杨安冉, 等. 黄姑鱼染色体识别与重复序列定位[J]. *水产学报*, 2016, 40(8): 1156-1162.
- Zheng J, Cao K, Yang A R, *et al.* Chromosome painting

using genomic DNA and repetitive DNA sequences as probes for somatic chromosome identification in *Nibea albiflora*[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2016, 40(8): 1156-1162(in Chinese).

- [6] 陈紫莹. 大黄鱼与黄姑鱼细胞遗传学初步研究[D]. 厦门: 集美大学, 2013.
- Chen Z Y. *Cytogenetic study on Larimichthys crocea and Nibea albiflora* [D]. Xiamen: Fisheries college of Jimei University, 2013(in Chinese).
- [7] Fujiwara A, Abe S, Yamaha E, *et al.* Uniparental chromosome elimination in the early embryogenesis of the inviable salmonid hybrids between masu salmon female and rainbow trout male[J]. *Chromosoma*, 1997, 106(1): 44-52.
- [8] 蔡明夷, 刘贤德, 陈紫莹, 等. 皱纹盘鲍染色体C带和rDNA定位[J]. *水产学报*, 2013(7): 1002-1008.
- Cai M Y, Liu X D, Cheng Z Y, *et al.* Characterization of Pacific abalone (*Haliotis discus hannai*) karyotype by C banding and fluorescence *in situ* hybridization with rDNA[J]. *Journal of Fisheries of China*, 2013(7): 1002-1008(in Chinese).
- [9] Fitzsimons J M, Rogers J S, Cashner R C. Karyologic and electrophoretic studies of the genus *Cynoscion* (Sciaenidae, Perciformes) from the northern gulf of Mexico[J]. *Japanese Journal of Ichthyology*, 1985, 31(4): 444-448.
- [10] Brum M J I. Cytogenetic studies of Brazilian marine fish[J]. *Brazilian Journal of Genetics*, 1996, 19(3): 421-427.
- [11] Santos S, de Fátima Gomes M, dos Santos Ferreira A R, *et al.* Molecular phylogeny of the western South Atlantic Sciaenidae based on mitochondrial and nuclear data[J]. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2013, 66(1): 423-428.
- [12] Yoshida M C. Chromosomal localization and heterochromatin association of ribosomal RNA gene loci and silver-stained nucleolar organizer regions in salmonid fishes[J]. *Chromosome Research*, 1998, 6: 463-471.
- [13] Gomes V, Vazzoler A E A D M, Phan V N. Estudos cariotípicos de peixes da família Sciaenidae (Teleostei, Perciformes) da região de Cananéia, SP, Brasil: 2. sobre o cariótipo de *Menticirrhus americanus* (Linnaeus, 1758)[J]. *Brazilian Journal of Oceanography*, 1983, 32(2): 187-191.
- [14] Reggi R, Périco E, Suninsky M, *et al.* Estudos citogenéticos em papa-terra, *Menticirrhus litoralis*

- (Perciformes, Serranidae)[J]. Simpósio de Citogenética Evolutiva e Aplicada de Peixes Neotropicais, Botucatu, SP. Unesp, Botucatu, 1986, 57.
- [15] Gomes V, Vazzoler A E A D M, Phan V N. Estudos cariotípicos de peixes da família Sciaenidae (Teleostei Perciformes) da região de Cananéia, SP, Brasil: 1. sobre o cariótipo de *Micropogonias furnieri* (Desmarest, 1823)[J]. Boletim Do Instituto Oceanográfico, 1983, 32(2): 137-142.
- [16] Ojima Y, Kikuno T. Karyotypes of a Gobiesociform and two Perciform fishes (Teleostei)[J]. Proceedings of the Japan Academy Ser B Physical & Biological Sciences, 1987, 63(6): 201-204.
- [17] Accioly I V, Molina W F. Cytogenetic studies in Brazilian marine Sciaenidae and Sparidae fishes (Perciformes)[J]. Genetics & Molecular Research, 2008, 7(2): 358-370.
- [18] Feldberg E, Porto J I R, Santos E B P, *et al.* Cytogenetic studies of two freshwater sciaenids of the genus *Plagioscion* (Perciformes, Sciaenidae) from the central Amazon[J]. Genetics & Molecular Biology, 1999, 446(7132): 211-214.
- [19] 王晓艳. 东海区常见养殖鱼类染色体核型研究[D]. 舟山: 浙江海洋学院, 2012.
Wang X Y. Chromosome karyotypic analyses of some cultured fishes of the East China Sea[D]. Zhoushan: University of Zhejiang Ocean, 2012 (in Chinese).
- [20] Gornung E. Twenty years of physical mapping of major ribosomal RNA genes across the teleosts: A review of research[J]. Cytogenetic & Genome Research, 2013, 141(2-3): 90-102.
- [21] Martins C, Wasko A P. Organization and evolution of 5S ribosomal DNA in the fish genome[J]. Focus on Genome Research, 2004: 335-363.
- [22] Coen E S, Dover G A. Unequal exchanges and the coevolution of X and Y rDNA arrays in *Drosophila melanogaster*[J]. Cell, 1983, 33(3): 849-855.
- [23] Cioffi M B, Martins C, Bertollo L A C. Chromosome spreading of associated transposable elements and ribosomal DNA in the fish *Erythrinus erythrinus*: Implications for genome change and karyoevolution in fish[J]. BMC Evolutionary Biology, 2010, 10(1694): 271.
- [24] Merlo M A, Cross I, Manchado M, *et al.* The 5S rDNA high dynamism in *Diplodus sargus* is a transposon-mediated mechanism: Comparison with other multigene families and Sparidae species[J]. Journal of Molecular Evolution, 2013, 76(3): 83-97.
- [25] Sola L, Gornung E, Naoi H, *et al.* FISH-mapping of 18S ribosomal RNA genes and telomeric sequences in the Japanese bitterlings *Rhodeus ocellatus kurumeus* and *Tanakia limbata* (Pisces, Cyprinidae) reveals significant cytogenetic differences in morphologically similar karyotypes[J]. Genetica, 2003, 119(1): 99-106.
- [26] Coghlan A, Eichler E E, Oliver S G, *et al.* Chromosome evolution in eukaryotes: a multi-kingdom perspective[J]. Trends in Genetics, 2005, 21(12): 673-682.
- [27] Pendás A M, Morán P, GarciaVázquez E. Ribosomal RNA genes are interspersed throughout a heterochromatic chromosome arm in Atlantic salmon[J]. Cytogenetics & Cell Genetics, 1993, 63(2): 128-130.
- [28] Pisano E, Ghigliotti L. Ribosomal genes in notothenioid fishes: focus on the chromosomal organisation[J]. Marine Genomics, 2009, 2(1): 75-80.
- [29] 吴建绍, 林琪, 曾志南. 大黄鱼(*Pseudosciaena crocea*)的染色体研究[J]. 福建水产, 2001, 12(4): 60-63.
Wu J S, Lin Q, Zeng Z N. The chromosome study of *Pseudosciaena crocea*[J]. Journal of Fujian Fisheries, 2001, 12(4): 60-63.
- [30] 全成干, 王军, 丁少雄等. 大黄鱼染色体核型研究[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2000, 39(1): 107-110.
Quan C G, Wang J, Ding S X, *et al.* The karyotypes of *Pseudosciaena crocea* (Richardson)[J]. Journal of Xiamen University (Natural Science), 2000, 39(1): 107-110.
- [31] 邹曙明, 李思发, 赵金良, 等. 福建官井洋海区大黄鱼的染色体核型分析[J]. 上海水产大学学报, 2003, 12(2): 179-181.
Zou S M, Li S F, Zhao J L, *et al.* Karyotype of *Pseudosciaena crocea* in Guanjingyang of Fujian[J]. Journal of Shanghai Fisheries University, 2003, 12(2): 179-181(in Chinese).
- [32] 王德祥, 苏永全, 王世锋, 等. 不同地理种群大黄鱼染色体核型的比较研究[J]. 海洋学报, 2006, 28(6): 176-178.
Wang D X, Su Y Q, Wang S F, *et al.* The karyotypes and their polymorphisms of the *Pseudosciaena crocea* from different populations[J]. Acta Oceanologica Sinica, 2006, 28(6): 176-178(in Chinese).

Comparison of chromosome mapping of *rDNA* between *Argyrosomus amoyensis* and *Larimichthys crocea*

LIAO Mengxiang, ZHENG Jiao, WANG Zhiyong, ZHANG Jing, LIU Xiande, CAI Mingyi*

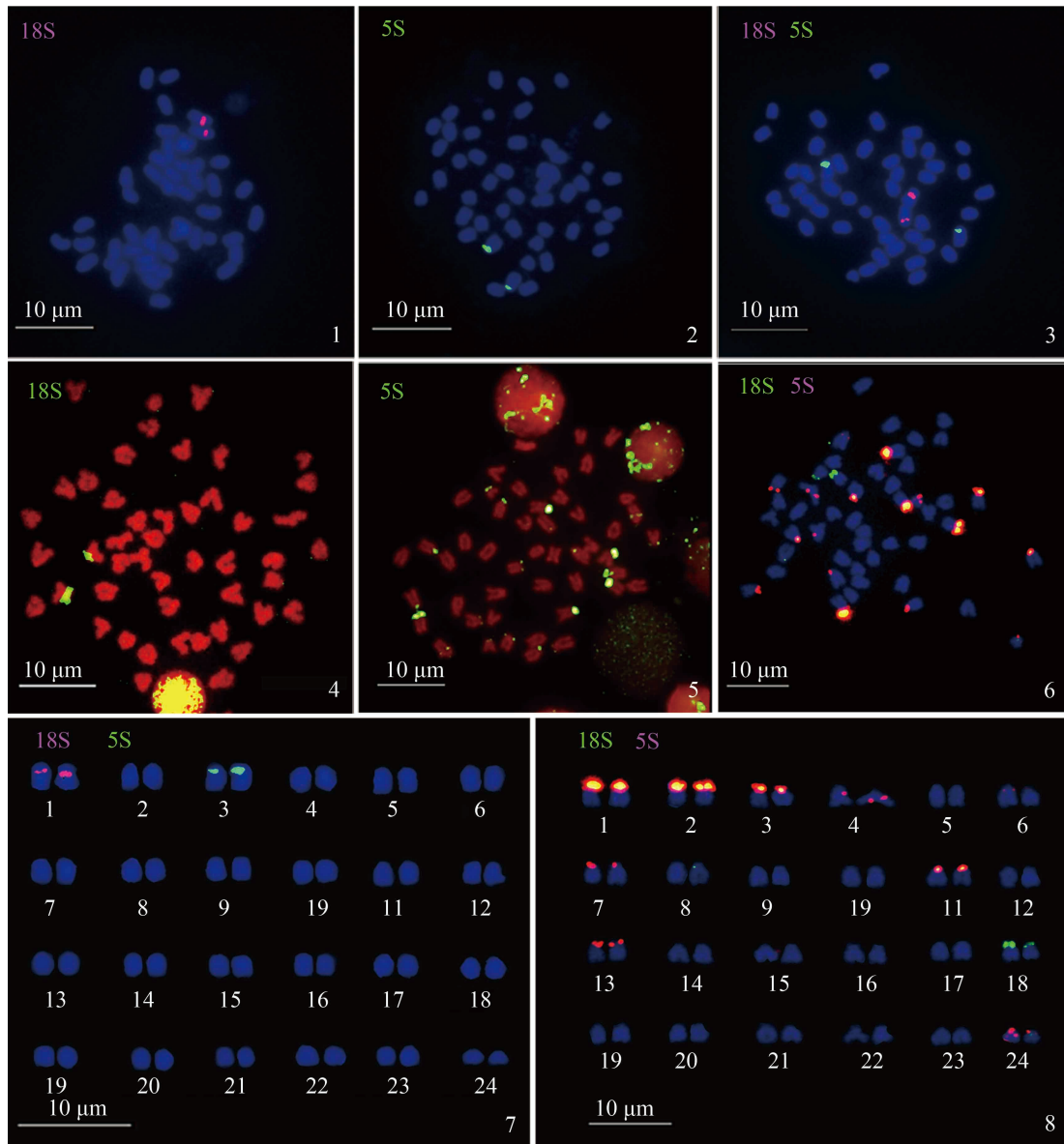
(The Key Laboratory of Healthy Mariculture for the East China Sea, Ministry of Agriculture,
Fisheries College, Jimei University, Xiamen 361021, China)

Abstract: Ribosomal DNAs were mapped comparatively with fluorescence *in situ* hybridization (FISH) in *Argyrosomus amoyensis* and *Larimichthys crocea* to explore the variations of karyotype microstructure among Sciaenids. The results showed that the karyotypes were quite different between *A. amoyensis* and *L. crocea* referring to macrokaryotype, and distribution mode of 18S *rDNAs* and 5S *rDNAs*. In *A. amoyensis*, the karyotype is $2n=48t$ (FN = 48); single pair of 18S *rDNA* signals were mapped at interstitial region of Chromosome 1; and single pair of 5S *rDNA* signals were located at proximal region of Chromosome 3. In *L. crocea*, the karyotype is $2n=2sm+4st+42t$ (FN = 50); single pair of 18S *rDNA* signals were mapped at terminal region of short arm of Chromosome 18; and 9~11 pairs of 5S *rDNA* signals distributed mostly on centromeric termini of acrocentric chromosomes or terminal on the short arms. Together with the available cytogenetic data of Sciaenids, the following conclusions were drawn: (1) the karyotype of *A. amoyensis* represents characteristics of ancestral karyotype in Sciaenidae, while the karyotype of *L. crocea* was derived from the ancestral karyotype through rearrangement and transposition; (2) the macrokaryotype and the location of 18S *rDNA* sites were rather conservative in Sciaenidae with several exceptions, while the 5S *rDNA* sites varied dynamically among species. Hence, further studies to investigate microstructure variations of karyotypes among Sciaenid species with FISH should be encouraged.

Key words: *Argyrosomus amoyensis*; *Larimichthys crocea*; chromosome; fluorescence *in situ* hybridization; *rDNA*

Corresponding author: CAI Mingyi. E-mail: myicai@jmu.edu.cn

Funding projects: National Natural Science Foundation of China (31272653); Natural Science Foundation of Fujian Province(2017J01449);Global Change and Air Sea Interaction (GASI-02-SCS-YSWaut, GASI-02-SCS-YSWspr)



图版 *rDNA*在厦门白姑鱼和大黄鱼染色体上的比较定位

1, 2, 3: 厦门白姑鱼中期相; 4, 5, 6: 大黄鱼中期相; 7: 厦门白姑鱼核型; 8: 大黄鱼核型; 18S: 18S *rDNA*, 5S: 5S *rDNA*。标尺=10 μm

Plate Comparative location of *rDNA* on the chromosome of *A. amoyensis* and *L. crocea*

1, 2, 3: metaphases of *A. amoyensis*; 4, 5, 6: metaphases of *L. crocea*; 7: karyotype of *A. amoyensis*; 8: karyotype of *L. crocea*. 18S: 18S *rDNA*, 5S: 5S *rDNA*. Bars represent 10 μm